一：重做Nanopore新冠病毒-序列拼接子模块页面

新页面结构如下

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 起始路径 |  | | | |
| 列表文件 |  | | | |
| 结果路径 |  | | | |
| Primmer Schemes | /home/admin1/IPH-nano/artic-ncov2019/primer\_schemes | | | |
| Primmer Detail | nCoV-2019/V3 | 纠错模型 | r941\_min\_high\_g360 | |
| Max Length Filt | 700 | Min Length Filt | | 400 |

Primmer Schemes（这里需要有浏览按钮来选择路径）, Primmer Detail（手动输入） , Max Length Filt（手动输入）, Min Length Filt（手动输入）四个变量前面加上勾选框，默认不打勾，设置为灰色不可操作。如果不打勾变灰不好实现就让表格里的参数默认显示在页面上。纠错模型的实现方式和内容与Nanopore宏基因组序列拼接-从头拼接模块相同

列表文件格式：第一列为样品名称，第二列为数据文件名或者文件夹

对接文件：G\_CONFIG/ncov\_assemble.py

说明：ncov\_assemble.py –raw\_path 起始路径 –list\_file 列表文件 –result\_path 结果路径 –primmer\_schemes -model 纠错模型 Primmer Schemes -primmer\_detail Primmer Detail –max\_length Max Length Filt - min\_length Min Length Filt

-primmer\_chemes, primmer\_detail, max\_length, min\_length这四个参数在脚本中有默认值，实际运行时，如果页面上这四个选项为灰色，则在脚本中无需出现。具体请看py文件实例。

二、去除Nanopore新冠病毒-分子进化树子模块

三、重做Nanopore新冠病毒-相似序列查找模块

将该模块名称更改为：**溯源与分子进化树**

页面如下

|  |  |
| --- | --- |
| 序列文件 |  |
| 序列信息 |  |
| 结果路径 |  |
| 每样品序列数 |  |

列表文件格式：第一列为样品名称，第二列为采样地、三列为采样时间

对接文件：G\_CONFIG/ncov\_trace\_tree.py

说明：ncov\_trace\_tree.py -fasta\_file 序列文件 -meta\_file 序列信息 -result\_path 结果路径 -num\_seqs每样品序列数